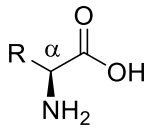
Aminosäuren

Aminosäuren sind Carbonsäuren, welche gleichzeitig eine Aminogruppe besitzen. Von den über 500 natürlich vorkommenden Aminosäuren sind nur 20 beim Menschen am Aufbau der Proteine beteiligt (proteinogene Aminosäuren).

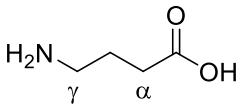
Alle proteinogenen Aminosäuren besitzen die Aminogruppe an 2-Position (α-Aminosäuren).



Aufbau einer α-Aminosäure

Bei 19 der 20 proteinogenen Aminosäuren ist das C-Atom 2 ein Chiralitätszentrum.

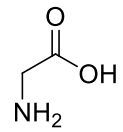
Neben α-Aminosäuren spielen auch andere AS im Körper eine wichtige Rolle, z.B. γ-Aminobuttersäure (GABA). Diese sind jedoch nicht am Aufbau von Proteinen beteiligt.

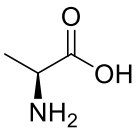


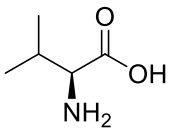
γ-Aminobuttersäure, wichtigster inhibitorischer Neurotransmitter im ZNS.

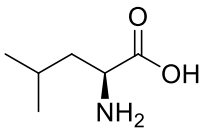
Dr. Gunnar Ehrlich
ehrlich@chemie.uni-hamburg.de

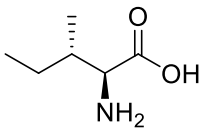
Proteinogene Aminosäuren

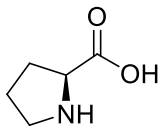

Glycin
(Gly, G)

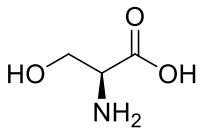

Alanin
(Ala, A)

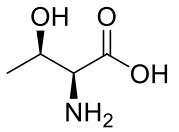

Valin
(Val, V)

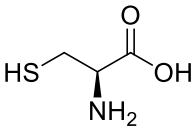

Leucin
(Leu, L)

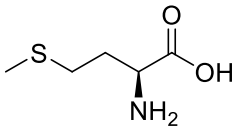

Isoleucin
(Ile, I)

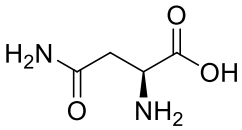

Prolin
(Pro, P)

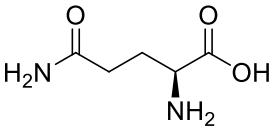

Serin
(Ser, S)

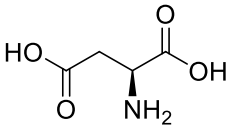

Threonin
(Thr, T)

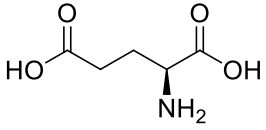

Cystein
(Cys, C)

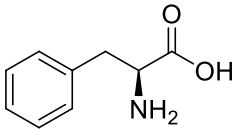

Methionin
(Met, M)

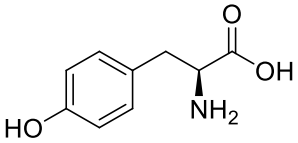

Asparagin
(Asn, N)

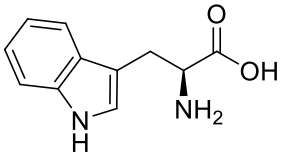

Glutamin
(Gln, Q)

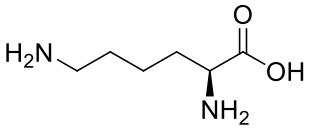

Asparaginsäure
(Asp, D)

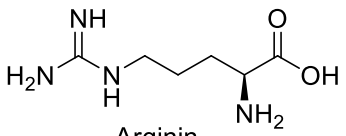

Glutaminsäure
(Glu, E)

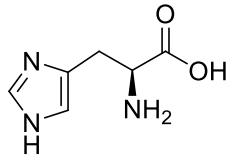

Phenylalanin
(Phe, F)


Tyrosin
(Tyr, Y)


Tryptophan
(Trp, W)


Lysin
(Lys, K)


Arginin
(Arg, R)

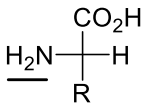

Histidin
(His, H)

Dr. Gunnar Ehrlich
ehrlich@chemie.uni-hamburg.de

Aminosäuren

Fischer-Nomenklatur:

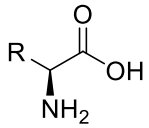
Alle proteinogenen Aminosäuren sind nach der Fischer-Nomenklatur L-konfiguriert.



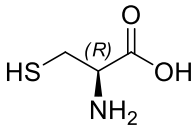
L-Aminosäure

In der Fischer-Projektion steht die Aminogruppe auf der linken Seite.

Konfiguration von Aminosäuren nach CIP:



Alle proteinogenen Aminosäuren leiten sich von dieser Grundstruktur ab. In 18 von 19 Fällen entspricht dies einer (*S*)-Konfiguration). Glycin als einfachste Aminosäure ist nicht chiral.



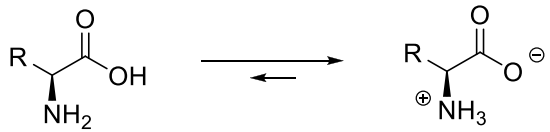
Cystein

Die einzige Ausnahme ist Cystein. Da Schwefel eine höhere Priorität als die Sauerstoffatome der Carboxyl-Gruppe besitzt, kehrt sich die Priorität der Substituenten um. Cystein besitzt daher eine (*R*)-Konfiguration.

Dr. Gunnar Ehrlich
ehrlich@chemie.uni-hamburg.de

Aminosäuren

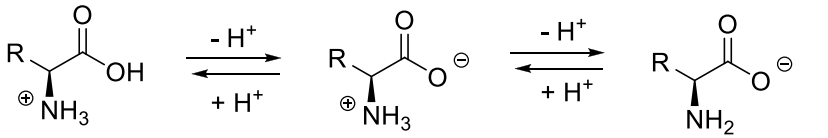
Aminosäuren vereinen eine saure (Carbonsäure) und eine basische (Amin) funktionelle Gruppe in einem Molekül. Als Festkörper sowie in Lösung treten sie fast ausschließlich als Zwitterionen auf.



neutrale Form

zwitterionische Form
(Betain)

In Abhängigkeit vom pH-Wert kann die zwitterionische Form weiter protoniert bzw. deprotoniert werden.



saure Lösung
(Kation)

neutrale Lösung
(Zwitterion)

alkalische Lösung
(Anion)

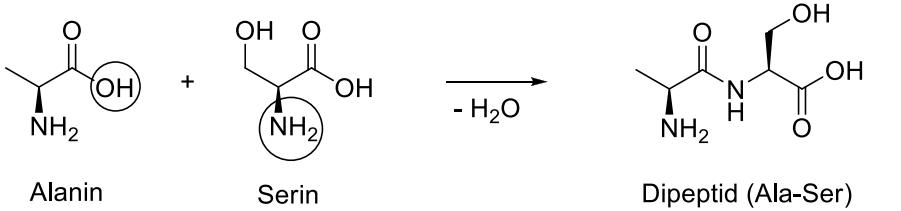
Bei einem für jede AS charakteristischen pH-Wert (dem isolelektrischen Punkt) liegt sie als Zwitterion vor und trägt keine Nettoladung.

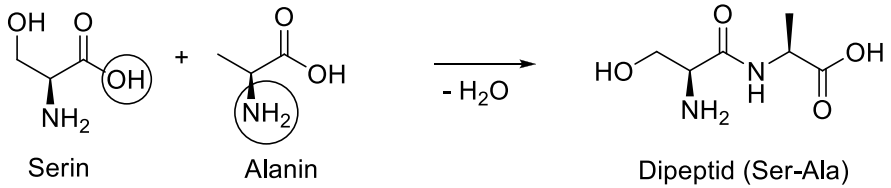
Dr. Gunnar Ehrlich
ehrlich@chemie.uni-hamburg.de

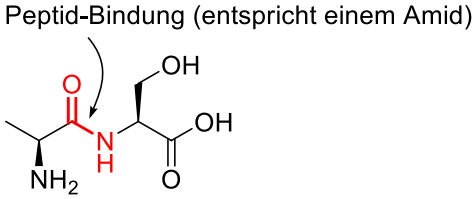
Peptide, Proteine

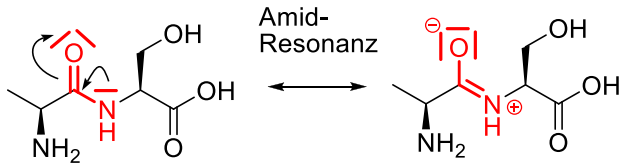
Peptid: Ein Peptid entsteht, wenn die Aminogruppe einer AS mit der Carboxylgruppe einer anderen AS unter Bildung eines Carbonsäureamids verknüpft werden.

Bei der Verknüpfung zweier AS bestehen grundsätzlich 2 Möglichkeiten:







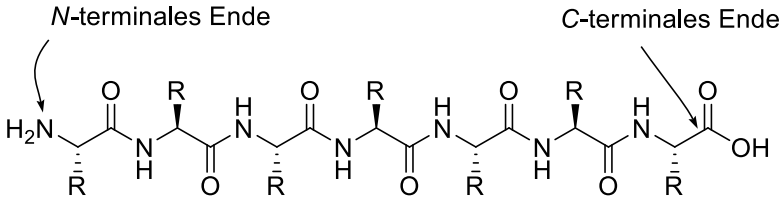


In Amiden besitzt die C-N-Bindung teilweise den Charakter einer Doppelbindung (verkürzte Bindungslänge, eingeschränkte Rotation).

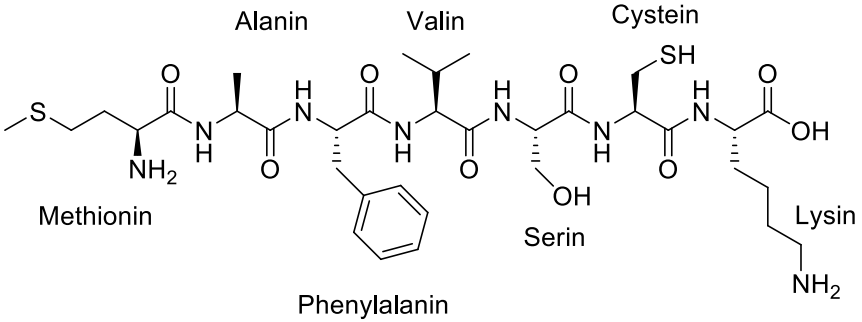
Peptide, Proteine

Nach Anzahl der kondensierten AS unterscheidet man: 2-9 AS → Oligopeptide, 10-100 AS → Polypeptide und ab 100 AS → Proteine.

prinzipieller Aufbau eines Peptids:



Das *N*-terminale Ende wird vereinbarungsgemäß immer links geschrieben, das *C*-terminale Ende rechts.



Beispiel eines Heptapeptids (Met-Ala-Phe-Val-Ser-Cys-Lys), Die *N*-terminale AS (hier Met) steht wieder auf der linken Seite.

Dr. Gunnar Ehrlich
ehrlich@chemie.uni-hamburg.de

Strukturen von Proteinen

Es können 3 Hierarchieebenen der strukturellen Organisation unterschieden werden:

1.) Primärstruktur: Aminosäuresequenz, Abfolge der einzelnen AS im Peptid-Strang

2.) Sekundärstruktur: Die konformative Starrheit der Peptidbindung (verursacht durch Amid-Resonanz) führt dazu, dass Peptide eine genau definierte Form einnehmen.
→ α-Helix und β-Faltblatt-Struktur

3.) Tertiärstruktur: übergeordnete Strukturen der Peptid-Helix oder des Faltblattes
- globuläre Proteine (Sphäroproteine)
- fibrilläre Proteine (Sklero- oder Faserproteine)

Dr. Gunnar Ehrlich
ehrlich@chemie.uni-hamburg.de